

Po2 /07 Titre : Evolution moléculaire de loci effecteurs et de gènes d'avirulence chez *Magnaporthe oryzae*, champignon pathogène du riz et d'autres Poacées.

Elisabeth Fournier - Didier Tharreau - Stelly Mississipi - Ludovic Alaux - Joëlle Milazzo - Christophe Tertois - Thomas Kroj - Cécile Ribot - Marc-Henri Lebrun

Les champignons pathogènes des plantes représentent de bons modèles pour étudier l'adaptation des populations d'agents pathogènes à leurs hôtes. Ces bio-agresseurs produisent des effecteurs, petites protéines sécrétées dans l'hôte, pour détourner son métabolisme à leur profit. Parmi ces effecteurs, certains, appelés gènes d'avirulence (AVR), sont reconnus spécifiquement par des gènes de résistance (R) de la plante et déclenchent rapidement des mécanismes de défense. Les gènes AVR acquièrent donc, en plus de leur fonction effectrice, une fonction d'avirulence. De cette interaction spécifique découle une pression de sélection réciproque à ces loci. En particulier, toute modification du gène AVR permettant d'échapper à la reconnaissance par la plante sera positivement sélectionnée. Cette évolution est cependant contrebalancée, d'une part par l'évolution, en retour, du gène R correspondant, et d'autre part par la fonction effectrice potentiellement exercée par ailleurs par le gène AVR, fonction qui est souvent inconnue et qui peut contraindre son évolution. Les effecteurs et gènes AVR sont de mieux en mieux caractérisés grâce aux progrès de la dernière décennie en génomique, génétique fonctionnelle et transcriptomique, mais leur dynamique évolutive reste mal connue. Nous avons cherché à caractériser cette dynamique évolutive chez *Magnaporthe oryzae*, champignon ascomycète responsable de la pyriculariose du riz et pathogène d'autres plantes de la famille des Poacées. Nous avons étudié la présence/absence et le polymorphisme nucléotidique de 7 gènes AVR et 4 effecteurs non connus pour être des AVR, dans une collection de 95 souches de *M. oryzae*, provenant de différentes plantes hôtes, et représentatives de la diversité génétique mondiale pour les souches provenant du riz. Nous avons comparé les résultats obtenus avec 4 régions génomiques neutres. Les résultats montrent un polymorphisme de présence/absence plus élevé pour les gènes AVR que pour les autres effecteurs ou les régions neutres. Ce résultat confirme que, en réponse à la sélection par les gènes de résistance correspondants, certains gènes AVR peuvent être éliminés sans conséquence mesurable pour le pouvoir pathogène en général. Dans les cas où les gènes sont maintenus, les mutations portées par les variants alléliques sont biaisées en faveur des substitutions non-synonymes, par rapport aux régions neutres. Comme attendu les gènes AVR sont donc soumis à sélection. Les effecteurs candidats étudiés sont aussi soumis à sélection, ce qui démontre leur implication dans l'interaction avec la plante. Parmi le millier d'effecteurs candidats de *M. oryzae*, il semble donc possible d'identifier ceux qui sont potentiellement fonctionnels par l'analyse de leur polymorphisme.

Elisabeth Fournier - BGPI, INRA-CIRAD-Supagro - Montpellier

Po2 /08 Titre : Caractérisation de populations françaises invasives de *Phytophthora infestans*, agent du mildiou de la pomme de terre (2006-2008)

Hélène Magalon - Frédéric Boulard - Didier Andrivon - Roselyne Corbière

Phytophthora infestans, agent responsable du mildiou de la pomme de terre, est un oomycète hétérothallique dont les deux types sexuels (A1 et A2) sont potentiellement capables de reproduction sexuée quand mis en présence l'un de l'autre. Depuis 2003, en France, a eu lieu l'expansion rapide des souches de type sexuel A2 au détriment de souches A1 présentes depuis plusieurs décennies et se propageant par multiplication clonale exclusivement. Afin de mieux comprendre le fonctionnement des populations de ce bioagresseur et l'impact de la reproduction sexuée sur l'évolution des populations pathogènes, une approche pluridisciplinaire a été réalisée combinant génétique des populations et phénotypage (virulence et résistance à un fongicide) sur 480 isolats prélevés dans trois grandes régions de production de pomme de terre (Bretagne, Nord et Centre) sur trois années de culture (2006-2008). Les isolats A2 présentent des profils de virulence plus complexes que les isolats A1. De plus, la fréquence des isolats résistants au métalaxyl est plus élevée chez les A2 que chez les A1. Ces différents traits, possiblement adaptatifs, pourraient expliquer en partie l'expansion des souches A2 en France. Par ailleurs, le génotypage réalisé à l'aide de 12 loci microsatellites révèle (1) que les populations sont dominées par quelques clones qui dispersent du Nord vers la Bretagne de l'année n à l'année $n+1$ respectivement, et (2) une très forte différenciation génétique entre les deux types sexuels (les isolats A1 étant génétiquement plus diversifiés que les A2 ; $F_{ST} = 0.41^{***}$). Cependant, une faible différenciation génétique est observée entre les trois bassins de production et les années au sein d'un même type sexuel. Des tests d'assignation semblent montrer, pour la première fois en France, l'existence de génotypes recombinants. Ainsi le rôle de la reproduction sexuée chez ce bioagresseur peut être déterminant dans le développement des épidémies et la gestion durable des résistances variétales.

Helene Magalon - INRA UMR BiO3P - helene.magalon@rennes.inra.fr